

GenCore version 5.1.1.3
Copyright (c) 1993 - 2003 CompuGen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: February 16, 2003, 16:42:40 : Search time 2277.41 Seconds
(without alignments)
15566.316 Million cell updates/sec

Title: US-09-497-967-44

Perfect score: 1410

Sequence: 1 atgaataataatttttagt.....cttattattattatgatga 1410

Scoring table: IDENTITY_NUC

Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 24791104 seqs, 12571243825 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 49582208

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :

Pending_Patents_NA_Main:*

1: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCTUS_COMB.seq:*

2: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US06_COMB.seq:*

3: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US07_COMB.seq:*

4: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US080_COMB.seq:*

5: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US081_COMB.seq:*

6: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US082_COMB.seq:*

7: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US083_COMB.seq:*

8: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US084_COMB.seq:*

9: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US085_COMB.seq:*

10: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US086_COMB.seq:*

11: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US087_COMB.seq:*

12: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US088_COMB.seq:*

13: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US089_COMB.seq:*

14: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US090_COMB.seq:*

15: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US091_COMB.seq:*

16: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US092_COMB.seq:*

17: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US093_COMB.seq:*

18: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US094_COMB.seq:*

19: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US095A_COMB.seq:*

20: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US095B_COMB.seq:*

21: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US095C_COMB.seq:*

22: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US095D_COMB.seq:*

23: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US096A_COMB.seq:*

24: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US096B_COMB.seq:*

25: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US096C_COMB.seq:*

26: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US096D_COMB.seq:*

27: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US096E_COMB.seq:*

28: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US097A_COMB.seq:*

29: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US097B_COMB.seq:*

30: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US097C_COMB.seq:*

31: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US098A_COMB.seq:*

32: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US098B_COMB.seq:*

33: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US098C_COMB.seq:*

34: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US099A_COMB.seq:*

35: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US099B_COMB.seq:*

36: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US099C_COMB.seq:*

37: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US099D_COMB.seq:*

38: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US100A_COMB.seq:*

39: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US100B_COMB.seq:*

40: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US101A_COMB.seq:*

41: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US101B_COMB.seq:*

42: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US102A_COMB.seq:*

43: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US102B_COMB.seq:*

44: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6000_COMB.seq:*

45: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6001_COMB.seq:*

46: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6002_COMB.seq:*

47: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6003_COMB.seq:*

48: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6004_COMB.seq:*

49: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6005_COMB.seq:*

50: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6006_COMB.seq:*

51: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6007_COMB.seq:*

52: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6008_COMB.seq:*

53: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6009_COMB.seq:*

54: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6010_COMB.seq:*

55: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6011_COMB.seq:*

56: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6012_COMB.seq:*

57: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6013_COMB.seq:*

58: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6014_COMB.seq:*

59: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6015_COMB.seq:*

60: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6016_COMB.seq:*

61: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6017_COMB.seq:*

62: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6018_COMB.seq:*

63: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6019_COMB.seq:*

64: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6020_COMB.seq:*

65: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6021_COMB.seq:*

66: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6022_COMB.seq:*

67: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6023_COMB.seq:*

68: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6024_COMB.seq:*

69: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6025_COMB.seq:*

70: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6026_COMB.seq:*

71: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6027_COMB.seq:*

72: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6028_COMB.seq:*

73: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6029_COMB.seq:*

74: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6030_COMB.seq:*

75: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6031_COMB.seq:*

76: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6032_COMB.seq:*

77: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6033_COMB.seq:*

78: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6034_COMB.seq:*

79: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6035_COMB.seq:*

80: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6036_COMB.seq:*

81: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6037_COMB.seq:*

82: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6038_COMB.seq:*

83: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6039_COMB.seq:*

84: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6040_COMB.seq:*

85: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US6041_COMB.seq:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	ID	Description
1	1410	100.0	1410	18	US-09-497-967-44
2	1404	99.6	1404	18	US-09-497-967-3
3	1404	99.6	1404	18	US-09-498-612-8
4	784.4	55.6	1410	18	US-09-497-967-102
5	792.6	55.5	1404	18	US-09-497-967-5
6	781	55.4	1404	18	US-09-497-967-53
7	258	18.3	2486	18	US-09-497-967-2
8	254.8	18.1	2811	18	US-09-498-612-3
9	254.8	18.1	2811	18	US-09-498-612-4
10	252.6	17.9	1326	18	US-09-497-967-1
11	252.6	17.9	1326	18	US-09-498-612-7
12	239.6	17.0	1193	3	US-07-763-352A-2
13	214.6	15.2	1936	3	US-07-763-352A-14
14	110.4	7.8	316	15	US-09-196-161-1
15	110.4	7.8	316	15	US-09-196-161-2
16	110.4	7.8	316	15	US-09-196-161D-2
17	103	7.3	316	15	US-09-196-161D-9
18	95.4	6.8	186935	66	US-60-226-176-1976
19	95.4	6.8	186935	67	US-60-233-468-1976
20	95.4	6.8	186935	75	US-60-313-371-1976
21	92.6	6.6	7814	66	US-60-226-176-1986

22	92.6	6.6	7814	67	US-60-233-468-1986	Sequence 1986, Ap
23	92.6	6.6	7814	75	US-60-313-371-1986	Sequence 1986, Ap
24	77.4	5.5	897	80	US-60-360-207-39592	Sequence 39592, A
25	73	5.2	138	18	US-09-497-967-74	Sequence 74, App1
c 26	68.2	4.8	123	18	US-09-497-967-75	Sequence 75, App1
c 27	66.2	4.7	104	18	US-09-497-967-71	Sequence 71, App1
c 28	65.4	4.6	961	80	US-60-360-207-31796	Sequence 31796, A
c 29	64.4	4.6	186449	33	US-09-881-797-715	Sequence 715, App
c 30	64.4	4.6	186449	38	US-10-021-698-715	Sequence 715, App
c 31	63	4.5	540	1	PCT-US00-41008-1	Sequence 1, App1
c 32	62.8	4.5	100	18	US-09-497-967-72	Sequence 72, App1
c 33	62.8	4.5	100	18	US-09-497-967-79	Sequence 79, App1
c 34	60	4.3	60	18	US-09-497-967-19	Sequence 19, App1
c 35	60	4.3	60	18	US-09-497-967-20	Sequence 20, App1
c 36	60	4.3	1635	1	PCT-US01-00663-16768	Sequence 16768, A
c 37	60	4.3	1635	33	US-09-864-761-20241	Sequence 20241, A
c 38	60	4.3	1635	41	US-10-182-993-16261	Sequence 16261, A
c 39	60	4.3	1635	41	US-10-182-995-13387	Sequence 13387, A
c 40	60	4.3	1635	41	US-10-182-997-12713	Sequence 12713, A
c 41	60	4.3	1635	41	US-10-182-998-8445	Sequence 8445, Ap
c 42	60	4.3	1635	42	US-10-203-134-16573	Sequence 16573, A
c 43	60	4.3	1635	42	US-10-203-135-16038	Sequence 16038, A
c 44	60	4.3	1635	42	US-10-203-136-16612	Sequence 16612, A
c 45	60	4.3	1635	42	US-10-203-137-16768	Sequence 16768, A

ALIGNMENTS

```
RESULT 1
US-09-497-967-44
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Clark, Theodore G.
; APPLICANT: Dickerson, Jr., Harry W.
; APPLICANT: Lin, Tian-Long
; TITLE OF INVENTION: DIAGNOSTIC AND PROTECTIVE ANTIGEN GENE SEQUENCES OF
; TITLE OF INVENTION: ICHTHYOPHTHIRIUS
; FILE REFERENCE: 235.00170101
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/497, 967
; CURRENT FILING DATE: 2000-02-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/131,121
; PRIOR FILING DATE: 1999-04-27
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/118,634
; PRIOR FILING DATE: 1999-02-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/122,372
; PRIOR FILING DATE: 1999-03-02
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/124,905
; PRIOR FILING DATE: 1999-03-17
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 102
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 44
; LENGTH: 1410
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Ichthyophthirius multifiliis
US-09-497-967-44

Query Match      100.0%; Score 1410; DB 18; Length 1410;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 1410; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

Qy 1 ATGAAAATAATATTTTAGTAATATTGATTAATTTATCAATTAATTAATCT 60
Db 1 ATGAAAATAATATTTTAGTAATATTGATTAATTTATCAATTAATTAATCT 60

Qy 61 GCTAATGCTGTTGGAACCTGAACTTAACACACCGCGGATAAGCTTGATGATCTAGGAAC 120
Db 61 GCTAATGCTGTTGGAACCTGAACTTAACACACCGGATAAGCTTGATGATCTAGGAAC 120

Qy 121 CTGCAAAATGCTGTAATGCTGAGAAAACCTTTTATTAATAATGCTGCTGCTTCGTT 180
Db 121 CTGCAAAATGCTGTAATGCTGAGAAAACCTTTTATTAATAATGCTGCTGCTTCGTT 180
```

Qy	181	CCTGCTGCTAGTCTAGTACACCTTGTCCATAAAAAGATGCTGCTGCTTAACCAAT	240
Db	181		
Qy	181	CCTGCTGCTAGTCTAGTACACCTTGTCCATAAAAAGATGCTGCTGCTTAACCAAT	240
Db	181		
Qy	241	CCACTGCTACTGCTAATTTAGTCACATAATACGTTAAATGCCCCTGCTGTCACGCA	300
Db	241		
Qy	241	CCACTGCTACTGCTAATTTAGTCACATAATACGTTAAATGCCCCTGCTGTCACGCA	300
Db	241		
Qy	301	ATGTCAGTGGAGCAACAGATTATGTCAGCAATATACACAATGTGTTAATTTGCAAT	360
Db	301		
Qy	301	ATGTCAGTGGAGCAACAGATTATGTCAGCAATATACACAATGTGTTAATTTGCAAT	360
Db	301		
Qy	361	AAATTTTATAATGAAATGCTCCAAATTTTAAATGAGGTGCTAGTACATGCAGCTTGT	420
Db	361		
Qy	361	AAATTTTATAATGAAATGCTCCAAATTTTAAATGAGGTGCTAGTACATGCAGCTTGT	420
Db	361		
Qy	421	CGGTAAACAGAGTTGGTGGTGCATTTGACCTGCTGTTAATCCGCTACCATAGTCGATAA	480
Db	421		
Qy	421	CGGTAAACAGAGTTGGTGGTGCATTTGACCTGCTGTTAATCCGCTACCATAGTCGATAA	480
Db	421		
Qy	481	TGTAACGTCGATGCTTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT	540
Db	481		
Qy	481	TGTAACGTCGATGCTTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT	540
Db	481		
Qy	541	AGATCATTACACAGAAATGTTAAATGATAGCTTAACTTTTACTATATGTTAATGTT	600
Db	541		
Qy	541	AGATCATTACACAGAAATGTTAAATGATAGCTTAACTTTTACTATATGTTAATGTT	600
Db	541		
Qy	601	AATCTCTTTCAATCCAGGTAAAGTTAATGCACACCTTCCGCGCAATTAACCTGCT	660
Db	601		
Qy	601	AATCTCTTTCAATCCAGGTAAAGTTAATGCACACCTTCCGCGCAATTAACCTGCT	660
Db	601		
Qy	661	AATGTTGCTTAAAGCTACTTTAGGTAAATGATGCTCAATAAACCGCATATGTAAGTGA	720
Db	661		
Qy	661	AATGTTGCTTAAAGCTACTTTAGGTAAATGATGCTCAATAAACCGCATATGTAAGTGA	720
Db	661		
Qy	721	TGCCCTGATGTTGCTATAGTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT	780
Db	721		
Qy	721	TGCCCTGATGTTGCTATAGTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT	780
Db	721		
Qy	781	TGTACTAATTTGCTCTCACTTAACTTTTACAATAATAATGCTCTTAACTTCAATCCAGGTA	840
Db	781		
Qy	781	TGTACTAATTTGCTCTCACTTAACTTTTACAATAATAATGCTCTTAACTTCAATCCAGGTA	840
Db	781		
Qy	841	AGTACATGCTTACCTTCCAGCAATAAAGATTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT	900
Db	841		
Qy	841	AGTACATGCTTACCTTCCAGCAATAAAGATTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT	900
Db	841		
Qy	901	GCCGCTACTTTAGCCAAATAAATGTAATTTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT	960
Db	901		
Qy	901	GCCGCTACTTTAGCCAAATAAATGTAATTTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT	960
Db	901		
Qy	961	GGAGCAACTAATTTATGTAATTTAATGTAATTTAATGTAATTTAATGTAATTTAATGTA	1020
Db	961		
Qy	961	GGAGCAACTAATTTATGTAATTTAATGTAATTTAATGTAATTTAATGTAATTTAATGTA	1020
Db	961		
Qy	1021	TTTGATGTTAATTTCTAGGCAAGAACTAGTAGATGCAAGCAATGTCAGCAATAAAA	1080
Db	1021		
Qy	1021	TTTGATGTTAATTTCTAGGCAAGAACTAGTAGATGCAAGCAATGTCAGCAATAAAA	1080
Db	1021		
Qy	1081	GTTTAAGGCGCTGATGCAACTGCAGGTGGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT	1140
Db	1081		
Qy	1081	GTTTAAGGCGCTGATGCAACTGCAGGTGGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT	1140
Db	1081		
Qy	1141	GAATGCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT	1200
Db	1141		
Qy	1141	GAATGCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT	1200
Db	1141		
Qy	1201	TCTGAATGTTGTTAAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT	1260
Db	1201		
Qy	1201	TCTGAATGTTGTTAAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT	1260
Db	1201		
Qy	1261	GTTATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTA	1320
Db	1261		

; APPLICANT: DICKERSON Jr., Harry W.
 ; APPLICANT: CLARK, Theodore G.
 ; APPLICANT: THE UNIVERSITY OF GEORGIA RESEARCH FOUNDATION, INC
 ; TITLE OF INVENTION: RECOMBINANT EXPRESSION OF HETEROLOGOUS NUCLEIC ACIDS IN
 ; TITLE OF INVENTION: PROTOZOA
 ; FILE REFERENCE: 235. 00100101
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/498,612
 ; CURRENT FILING DATE: 2000-02-04
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/118,634
 ; PRIOR FILING DATE: 1999-02-04
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/122,372
 ; PRIOR FILING DATE: 1999-03-02
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/124,905
 ; PRIOR FILING DATE: 1999-03-17
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/131,121
 ; PRIOR FILING DATE: 1999-04-27
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/US00/02966
 ; PRIOR FILING DATE: 2000-02-04
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 14
 ; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
 ; SEQ ID NO 8
 ; LENGTH: 1404
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: Ichthyophthirius multifiliis
 ; US-09-498-612-8

	Query Match	99.6%	Score 1404;	DB 18;	Length 1404;
	Best Local Similarity	100.0%;	Pred. No. 0;		
	Matches 1404;	Conservative 0;	Mismatches 0;	Indels 0;	Gaps 0;
Qy	1	ATGAAAAAATAATTTTCTAGTAATTGGATTATTCATTATTTATCAATTAATAATTAATCT	60		
Dd	1	ATGAAAAAATAATTTTCTAGTAATTGGATTATTCATTATTTATCAATTAATAATTAATCT	60		
Qy	61	GCTAAATGTCTTGGAACACTGAAAACATAACACGCCGATAAGTTGATGATCTAGGAAC	120		
Dd	61	GCTAAATGTCTTGGAACACTGAAAACATAACACGCCGATAAGTTGATGATCTAGGAAC	120		
Qy	121	CCTGCAAATGTGTTTAAATTTGTAGAAAACTTTTTATTATAATATGCTGCTGTTTCGTT	180		
Dd	121	CCTGCAAATGTGTTTAAATTTGTAGAAAACTTTTTATTATAATATGCTGCTGTTTCGTT	180		
Qy	181	CCTGGTGCTAGTAGCGTGACACCTTGTCATAAAAAAGAATGCTGGTGTTAACCAAAT	240		
Dd	181	CCTGGTGCTAGTAGCGTGACACCTTGTCATAAAAAAGAATGCTGGTGTTAACCAAAT	240		

```

RESULT 4
US-09-497-967-102
; Sequence 102, Application US/09497967
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Clark, Theodore G.
; APPLICANT: Dickerson, Jr., Harry W.
; APPLICANT: Lin, Tian-Long
; TITLE OF INVENTION: DIAGNOSTIC AND PROTECTIVE ANTIGEN GENE SEQUENCES OF
; TITLE OF INVENTION: ICHTHYOPHTHRIS
; FILE REFERENCE: 235-00170101
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/497,967
; CURRENT FILING DATE: 2000-02-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/131,121
; PRIOR FILING DATE: 1999-04-27
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/118,634
; PRIOR FILING DATE: 1999-02-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/122,372
; PRIOR FILING DATE: 1999-03-02
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/124,905

```

		PRIORITY DATE: 1999-03-17			
		NUMBER OF SEQ ID NOS: 102			
		SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1			
		SEQ ID NO 102			
		LENGTH: 1410			
		TYPE: DNA			
		ORGANISM: Artificial Sequence			
		FEATURE:			
		OTHER INFORMATION: Description of Artificial Sequence: synthetic			
		OTHER INFORMATION: 55kd i-antigen coding region			
		US-09-497-967-102			
		Query Match		55.6%; Score 784.4; DB 18; Length 1410;	
		Best Local Similarity		72.3%; Pred. No. 3.5e-172;	
		Matches 1019; Conservative		0; Mismatches 391; Indels 0; Gaps 0;	
QY	1	ATGAAAATAATATTTTAAATATTTAGTAAATATTTGATTAATTTTCAATTTATTAATTTAAATTAATCT	60		
DB	1	ATGAAGAACACATCTCGTGATCTGATCATCTCTCTGTTCATCAACACAGATCAAGTCT	60		
QY	61	GCTAATTTGCTGTTGGAACCTGAACCTAACACGCCGATGAAGTTGATGTATAGGAACCT	120		
DB	61	GCTAACTCTGCTGGGAACCGAGACCAACACCCCTGGACAGGTGGACACCTGGGAACC	120		
QY	121	CTGCAAAATCTGTTAATTTGTACAAAACCTTTTATTTAATTAATGCTGCTGCTTCGTT	180		
DB	121	CTGTAACTGTGTAACCTGTGAGAAGAACTTCTACTACAAACACCGCTGCTGCTTCGTC	180		
QY	181	CTGTGCTAGTGTGTACACCTGTGTCATATAAAAAAAGATCTGGTGTAAACCAAT	240		
DB	181	CTGGAGCTTCTACTGTACCCCTGTCTCCAGAAAGGACGCTGGAGCTCAGCCTAAC	240		
QY	241	CCAGCTGCTACTGTAATTTAGTCAATATTAAGCTTAAATGCCCTGCTGGTACCGCA	300		
DB	241	CTCTCTGCTACCGTAACTCGGTGACCCAGTGAAGCTGAAGTGTCTGCTGGAACCGCT	300		
QY	301	ATTGAGGTGGAGCAACAGATTATGACAGCAATTAATCACAGATGTGTTAATTTAGAAAT	360		
DB	301	ATCCCTGGAGGAGCTCCGAGTACGCTGTATCATCACCAGAGTGTGAACCTGCGCATC	360		
QY	361	AATTTTTATTAATGAAATGCTCCAAATTTTAAATGCAAGGTCTAGTATACATGCACAGTCT	420		
DB	361	AACCTTACACAGAGACGCTCTCACTCAACGCTGGAGCTTCACTGTACCCGCTGT	420		
QY	421	CCGTAACACAGATTGCTGTCATTTAGTCTGCTGTAATGCCGCTACCATATGTCATAA	480		
DB	421	CTGTGAACCCGCTGGGAGGAGCTCTGACCGCTGGAACGCTGCTACCATCTGCTCAG	480		
QY	481	TGTAACCTGCTGCTCTACCGCAACCGCTGCGAGCGAGTGACCAACGACTACGCTG	540		
DB	481	TGTAACCTGCTGCTCTACCGCAACCGCTGCGAGCGAGTGACCAACGACTACGCTG	540		
QY	541	AGATCATTCACAGATGTGTTAATGTAGACTTAACCTTTTACTATAATGTTAATATGTT	600		
DB	541	CGCTCTTCCAGGAGTGTGGAAGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	600		
QY	601	AATACCTCTTCAATCCAGTAAAGTTAATGCCACACCTTGTCCGGAATTAACCTGCT	660		
DB	601	AACACCCCTTCAACCTGGAAGTCTAGTGTACCCCTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	660		
QY	661	AATGTTGCTTAAGCTACTTTAGGTAAATGATGATCAATAACCGCATATGTAAGCTTGA	720		
DB	661	AACGTGCTCAGGCTACCTCGGAACGAGCTACCATCAGCGTCACTGTGAAGCTGCT	720		
QY	721	TGCGCTGATGTTACTAGTCTGCTGAGTAAATATTTGGTAGCAAAACACTGAA	780		
DB	721	TGTCTTGGAGGAACCATCTCTGCTGCTGAGTGAACAACTGGGTGCTCAGAACCCGAG	780		
QY	781	TGTACTAATTTGCTCTCACTTTTACAATATAATGCTCTCTAATTTCAATCCAGGTAAT	840		
DB	781	TGTACCACTGTGCTCTCACTTTTACAACCAACAGCTCTCTCACTTCAACCCCTGGAAC	840		
QY	841	AGTACATGCTTACCTTGCCCAAGCAATAAAGATTATGCTGCTGAAGCCACTGCAAGTGT	900		
		Query Match		55.5%; Score 782.6; DB 18; Length 1404;	
		Best Local Similarity		72.5%; Pred. No. 9.1e-172;	
		US-09-497-967-5			

Conservative	0	Mismatches	384	Indels	0	Gaps	0
--------------	---	------------	-----	--------	---	------	---

Matches 1013; Conservative		0;	Mismatches 384;	Indels 0;	Gaps
Qy	1	ATGAAATAATATTTT	TAGTAATATTCATTTATTTTCAATTAATTTAAATTTAAATCT	60	
Db	1	ATGAAGAACAACCT	TGGTATCCTCATCTCTCTCTCATACCAATCAAGTCT	60	
Qy	61	GCTAATTTGCTTGTGGAACTGAAACTAAACACACGCGGATAAGTTGATCTAGGAAC	120		
Db	61	GCTAATTTGCTTGTGGAACTGAAACTAAACACACGCGGATAAGTTGATCTAGGAAC	120		
Qy	121	CCTGCAATTTGTTTAAATTTAGAAAACCTTTTATTAATTAATTCCTTCGCTTTCGTT	180		
Db	121	CCTGCTAACTGTGGAACCTGTCAGAAACTTCTACTACAAACAGCTGCTGCTTTGGTG	180		
Qy	181	CCTGGTGTAGTACGTTGACCTTGTCCATAAAAAAGATGCTGGTGTCTTAACCAAT	240		
Db	181	CCGAGAGCTTCTACCTGTATCCCTTGTCTCTCAGAAAGAGCCCTGGAGCTCAGCTAAC	240		
Qy	241	CCACTGCTACTGCTAAATTTAGTACATTAATGTAAGCTTAAATGCCCTGCTGGTACCGCA	300		
Db	241	CCTCTGCTACCGCTAACCTTGTGACCCAGTGAACCTGAAGTGTCTCTGCTGGAACCGCT	300		
Qy	301	ATTGCGAGTGGAGCAACAGATTATCGCAGCAATATACAGAATGTCTTAATTTGTAAGATT	360		
Db	301	ATCCTGAGGAGCTACCGACTACGCTGCTATCATCACCAGTGTGTGAATCTCGATC	360		
Qy	361	AAATTTTATTAATGAAATGCTCCAAATTTTAATCGAGTCTAGTACATGCACAGCTTGT	420		
Db	361	AACTTCTACAAAGAGACGCTCCTTAATCTCAACGCTGGAGCTTCTACCTGTACCGCTGT	420		
Qy	421	CCGCTAAACAGAGTTGGTGGTATGACTGCTGGTAATGCCGCTACCATGCTCCATAA	480		
Db	421	CCTGTGAACCGCTGGGAGAGCTCTGACCGCTGGAACGCTGCTACCATGCTGGCTCAG	480		
Qy	481	TGTAAGTGCATGTCCTACTGCTACTGCATGATGATGGAGTACTACTGATTTATGTT	540		
Db	481	TGTAACTGGCTTGTCTTACCGAACCCTCTGGACGAGGAGTGACCCGACTACGTTG	540		
Qy	541	AGATCAATTCAGAAATGTGTTAAATGTAGACTTAACCTTTACTATAATGTAATATGTT	600		
Db	541	CGCTCTTTCACCGAGTGTGGAAGTGTGCGCTGAACCTTCTACTACAAAGGAAACAACGA	600		
Qy	601	AATACTCTTTCATCCAGTAAAGTTAATGCACACCTTGTCCGGCAATTAACCTGCT	660		
Db	601	AACACCCCTTTCACCCCTGAAAGTCTCAGTGTACCCCTTGTCTGCTATCAAGCTGCT	660		
Qy	661	AAATGTTGCTTAAGCTACTTTAGTAAATGATGCTACAATTAACCGCATTAATGTAACTGCA	720		
Db	661	AACGTGCTCAGGCTACCTTGGGAACGAGCTACCATCACCGCTCAGTGTAACTGGCT	720		
Qy	721	TGCCCTGATGTACTATAAGTGTCTGGAGTAAATTAATTTGGGTAGCACAAACACTGAA	780		
Db	721	TGCTCTGCGAAACCATCTCTGCTGGAGTGAACAATGGGTGGCTCAGAACCCGAG	780		
Qy	781	TGTAATAATTTGCTCTCACTTTTACAATAATAATGCTCAATTTCAATCCAGGTAAT	840		
Db	781	TGTACCAACTGTGCTCTTAATTTCTACACACACGCTCCTAATCAACCCCTGGAAC	840		
Qy	841	AGTACATGCCTACCTTGCCCAACAAATAAAGATTATGTTGCTGAAGCCACTGCAAGTGT	900		
Db	841	TCTACCTGTCTGCTTGTCTGTCTCAACAGGACTACGGAGCTGAGGCTACCGTGGAGGA	900		
Qy	901	GCGGCTACTTTAGCAAAATATGTAATATGATGCTCCCTGATGGTACTGCAATTTGCTAGT	960		
Db	901	GCTGTACCTTGGGTAGCAGTGTAACTGCTTGTCTGACGGAACGCTATTCGCTTCT	960		
Qy	961	GGAGCAACTAATTTGTAATTAATAACAGATGTCTAAATTTGTGCTTAACCTTTAT	1020		
Db	961	GGAGCTACCACTAGTGATCCTCGACACCGAGTGTCTGAATGTGCTTAACCTTCTAC	1020		
Qy	1021	TTTGTATGGTAATAATTTCTAGGCAAGAGTATAGTATGCAAAAGCATGTCCAGCAAAATAA	1080		
Db	1021	TTTCGACGGAACAACATCTCCAGGCTGGATCTTCTCGCTGTAAGGCTGTCTCTTAACAG	1080		

Qy	1081	GTTTAAGCGCTGACCAACTGCAGTGGTACTGCTACTTTAAATTGCATAATGTGCCCTT	114
Db	1081	GTGCAGGAGCTGTGGCTACCGCTGGAGAACCGTACCTGATCGCTCAGCTGTGCTCTG	1140
Qy	1141	GAATGCGCTGCTGGTACTGACTACCGATGGAACAACATCTACTTATAAATAAGCAGCA	1200
Db	1141	GAGTGTCTGCTGGAACCGTGTGTACCGACGGAACCACTCTACCTACAAGCAGGCTGCT	1200
Qy	1201	TCTGAATCTGTTAAATGTGTCGCCAAGCTTTTATACAAAATAAATCTGATTGGGTAGCA	1260
Db	1201	TCTCAGTGTGTGAAGTGTGCTGTCTAACTTCTACACCAACGACGACCGCTGGGTGGCT	1260
Qy	1261	GGTATTGATACATGCTACTAGCTTCTTAATAAAAAATTAACCTTCGTGGCGCTGAAGCTAAATTTA	1320
Db	1261	GGAATCGACACCTGTACCTCTTGTACACAGACCTGACCTCTGTGAGCTCAGGCTAACCTG	1320
Qy	1321	CCTGAATCTGCTAAAAAAAATATATATATGTGATTTTCGCTPAATTTTTTATCAATTTCCCTTA	1380
Db	1321	CCTGAGTCTGCTAGAAGAACAATCCAGTGTGACTTCGCTAACTTCTGTCTATCTCTCTG	1380
Qy	1381	TTATGATTTCTTATTA	1397
Db	1381	CTGCTGATCTTACTA	1397

RESULT 6

US-09-497-967-53

; Sequence 53, Application US/09497967

; GENERAL INFORMATION:

; APPLICANT: Clark, Theodore G.

; APPLICANT: Dickerson, Jr., Harry W.

; APPLICANT: Lin, Tian-Long

; TITLE OF INVENTION: DIAGNOSTIC AND PROTECTIVE ANTIGEN GENE SEQUENCES OF

; FILE REFERENCE: 235.00170101

; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/497,967

; CURRENT FILING DATE: 2000-02-04

; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/131,121

; PRIOR FILING DATE: 1999-04-27

; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/118,634

; PRIOR FILING DATE: 1999-02-04

; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/122,372

; PRIOR FILING DATE: 1999-03-02

; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/124,905

; PRIOR FILING DATE: 1999-03-17

; NUMBER OF SEQ ID NOS: 102

; SOFTWARE: Patent In Ver. 2.1

; SEQ ID NO 53

; LENGTH: 1404

; TYPE: DNA

; ORGANISM: Artificial Sequence

; FEATURE:

; OTHER INFORMATION: Description of Artificial Sequence: synthetic G5

; OTHER INFORMATION: proline mutant i-antigen

US-09-497-967-53

Query Match	55.4%;	Score 781;	DB 18;	Length 1404;
Best Local Similarity	72.4%;	Pred. No. 2.2e-171;		
Matches 1012: Conservative	0;	Mismatches 385;	Indels 0;	Gaps 0;

Qy	1	ATGAAATAATATTTT	AGTAAATATTCATTT	ATTTTATTTATCAAT	TTAAATTTAAATCT	60
Db	1	ATGAGACAACATCC	CGGTGATCTCTCT	CTCTCATCAAC	CAGATCAAATCT	60
Qy	61	GCTAATGTCTGTTG	GAACTGAACTTAA	CACACAGCCGATAT	AGTTGATGATCTAG	120
Db	61	GCTAATGTCTGTG	GGAACCGAGACCA	CAACCGCTGGAC	GAGTGGACGACCT	120
Qy	121	CCTGCAATTTGTTA	TTTGTGTAGAAAA	CTTTTATTTAAT	TGCTGCTCTTCGTT	180
Db	121	CCTGCTAACTGTG	TAACTGTTCAGAGA	ACTTCTACTACAA	ACGCTGCTCTTCG	180

181 CCTGGTGTCTAGTACCTGTACACCTTGTCCATATAAAAGAGATGCTGGTGTAAACCAAT 240
181 CCTGGAGCTTCTACTGTACCTGTGCTTCAGAAAGAGAGAGCTGGAGCTCAGCGCTAAC 240
241 CCACCTGCTACTGCTAAATTTAGTCACATATGTAACGTTAAATGCCCTGCTGGTCCGCA 300
241 CCTCTGCTACCGCTAACCTTGGTGACCCAGTGTAACTGAGTGTCTGCTGGAACCGCT 300
301 ATTCCAGGTGGACACAGATTTATGACGAGCAATATACAGAGATGTGTTAATGTAGAATT 360
301 ATCGCTGGAGAGCTACCGACTACGCTGCTATATCACCAGAGTGTGTAACGTGCGCATC 360
361 AATTTTATATGAATATGCTCCAAATTTAATGCAAGTGTAGTACATGACACAGCTGT 420
361 AACTTCTACAAACGAGAGCTCTACTTCAACGCTGGAGCTTCTACCTGTACCGCTTGT 420
421 CCGSTAAACAGAGTTGGTGTGCAATGACTGCTGTTAATGCGCTACCATAGTCGCATAA 480
421 CCTGTGAACCGTGTGGGAGAGCTGTGACCGCTGGAACGCTGTACCATGCTGCTCAG 480
481 TGTAACTGCGATGCTCTACTGCTACTGCTACTGCTAACTTTTACTATAATGTTAATGTT 600
481 CGCTCTTTCACCGAGTGTGTAAGTGTGCGCTGAACTTCTACTACAAACGGAACCGGA 600
601 AATACCTCTTCAATCCAGGTAAGTTAATGCAACCTTGTCCGGCAATTAACCTGCT 660
601 AACACCCCTTTCAACCTGGAAGTCTCAGTGTACCCCTTGTCTGCTATCAAGCTGCT 660
661 AATGTTGCTTAAGCTACTTTAGTGAATGATGCTACATAAATGCGCATATGTAAGCTTGA 720
661 AAGTGGCTCAGCTACCTGCGGAAACGAGCTACCATCACCGCTCAGCTGTAACCTGGCT 720
721 TGCCCTGATGTAATAGTCTGCTGGAGTAATATGTTGGTAGCACAAACACTGAA 780
721 TGTCTGAGGAACCATCTGCTGCTGAGTAGAACAACTGGTGGCTCAGAACACCGAG 780
781 TGTACTAATTTGCTCCTCACTTTTACAAATAATATGCTCCTAATTTCAATCCAGGTAAT 840
781 TGTACCAACTGTGCTCCTAATCTTACAAACAAACGCTCTCACTTCAACCCCTGGAAC 840
841 AGTACATGCTACCTTGGCCAGCAAAATAAGATTATGCTGCTGAAGCACTGCGAGTGT 900
841 TCTACTGCTGCTGCTTGTCTGCTGCTAACCAAGGACTACGAGCTGAGGCTACCGCTGGAG 900
901 GCGCTACTTTAGCCAAATAATGTAATTTGCATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 960
901 GCTGCTACCTGGCTAAGCACTGTAACATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 960
961 GGAGCAACTAATTTATTAATAATAACAGAAATGCTAATTTGCTGCTGCTGCTGCTTAT 1020
961 GGAGTACCAACTAGTGTATCCTGAGACCGAGTGTGCTGACTGCTGCTGCTGCTGCT 1020
1021 TTTGATGCTAATAATTTCTAGCAGGAGTGTAGTAGTGAAGAGTGTCCAGCAATAA 1080
1021 TTCAGCGGAACAACCTTCCAGGCTGGATCTTCTGCTGTTAAGGCTGCTGCTGCTAACA 1080
1081 GTTTAAGCGCTGTAGCAACTGCAAGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1140
1081 GTGAGGAGCTGTGGCTACCGCTGGAGAACCGCTACCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1140
1141 GAATGCCCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1200
1141 GAGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1200
1201 TCTGAATGCTGTTAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1260
1201 TCTGAGTGTGAGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1260
1261 GGTATTGATACATGCTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1320

1361 GGAATCGACACCTGTACCTTGTGTACAGAGAACCTGACCTCTGGAGCTGAGCTG 1320
1321 CTGGAATCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1380
1321 CCTGAGTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1380
1381 TTATTGATTTCTTTATTA 1397
1381 CTGCTGATCTCTTACTA 1397

RESULT 7

US-09-497-967-2
; Sequence 2, Application US/09497967
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Clark, Theodore G.
; APPLICANT: Dickerson, Jr., Harry W.
; APPLICANT: Lin, Tian-Long
; TITLE OF INVENTION: DIAGNOSTIC AND PROTECTIVE ANTIGEN GENE SEQUENCES OF
; FILE REFERENCE: 235, 00170101
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/497,967
; PRIOR FILING DATE: 2000-02-04
; PRIOR FILING DATE: 1999-04-27
; PRIOR FILING DATE: 1999-02-04
; PRIOR FILING DATE: 1999-02-04
; PRIOR FILING DATE: 1999-03-02
; PRIOR FILING DATE: 1999-03-17
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 102
; SOFTWARE: Patent In Ver. 2.1
; SEQ ID NO 2
; LENGTH: 2486
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Ichthyophthirius multifiliis
US-09-497-967-2

Query Match 18.3%; Score 258; DB 18; Length 2486;
Best Local Similarity 56.8%; Pred. No. 2.9e-49;
Matches 666; Conservative 0; Mismatches 395; Indels 111; Gaps 6;

QY 344 GTGTTAATGTAGAAATTAATTTTATATGAAATGCTCCAAATTTTAAATGAGTGCTA 403
DB 599 GTGCTGCTTAAAGGAGAGCTAATGCTAATTAACCTTTCCGAGCAAAATGCTGTAGAG 658
QY 404 GTACATGCACAGCTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 463
DB 659 GTATATGCTACCATGCCAAATTAACAGAGTAGGCTCTGTACCATGCGAGGTGACTTAG 718
QY 464 CTACCATAGTCGCATTAATGTAACGTCGCATGCTCTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 523
DB 719 CTACTTTAGCCACATAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 778
QY 524 TAACCTACTGATTTAGTGTAGATCATTCACAGATGCTGTTAAATGTAGACTTAACCTTT 583
DB 779 TCACAGATGTTTTGATGATGATCCCGCAATGTTGTTAAATGCAAACTTAACCTTTTACT 838
QY 584 ATAATGTTAATGTTAATGTTAATGTTAATGTTAATGTTAATGTTAATGTTAATGTTAAT 643
DB 839 ATAATGTTGTTTCTTCTTAAAGTGAAGCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 898
QY 644 CGGCAATTAACCTGCTT-----AATG 564
DB 899 CCGCTGCGAGGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 958
QY 665 TTGCTTAAGCTGCTTTAGGTAATGCTACATAACCGCATATGCTTAACCTGCTGCTGCTG 724
DB 959 ATTCTCTGCCACTGCGAGGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1018
QY 725 CTGATGCTACTATAAGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 781

Db 1997 CTCACGACATGCTCCAGGTAATACTGCTACTTAAGCCACATAATGTTTGACCCACATGTC 2056
Qy 1148 CTGCTGCTAGTACTACCCGATGGAACAACTACTACTTATAATAAGCAGCATCTGAAT 1207
Db 2057 CTGCTGCTAGTACTACTGATGATGGAACATCAACTAATTTGTAGCTTCCGCAACTGAAT 2116
Qy 1208 GTGTTAAATGTGCTGCCAACTTTTATACTACAAAATAAAGTAACTGATGGGTAGCAGGTATG 1267
Db 2117 GTACTAATGTCGTGCTGGCTTTTTCGATCAAAAACAACACTGGTTTACAGCAGGTACTG 2176
Qy 1268 ATACATGCTAGTGTGTAATAAAAAATAACTTCTGCGCTGAAGCTAATTTACCTGAAT 1327
Db 2177 ATACATGCTAGTGAATGCTAAAAAATAAATTAACITCTGCTGCCACAGCTAAAGTATAGCTG 2236
Qy 1328 CTGCTAAAAAATAATATATG-----TGATTCCTCTAATTTTATCAATTTCT 1378
Db 2237 AAGCTACTCAAAAGTATATGCGCTCCACTACTTTCGCTAAATTTTATCGATTTCT 2296
Qy 1379 TATTATGATTTCTTATTATTATTATGATGA 1410
Db 2297 TATTATTTATTTCTTCTATTATTGAGGA 2328

RESULT 9
US-09-498-612-4/c
; Sequence 4, Application US/09498612
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: GAERTIG, Jacek
; APPLICANT: DICKERSON Jr., Harry W.
; APPLICANT: CLARK, Theodore G.
; APPLICANT: THE UNIVERSITY OF GEORGIA RESEARCH FOUNDATION, INC
; TITLE OF INVENTION: RECOMBINANT EXPRESSION OF HETEROLOGOUS NUCLEIC ACIDS IN
; TITLE OF INVENTION: PROTOZOA
; FILE REFERENCE: 235.00100101
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/498,612
; CURRENT FILING DATE: 2000-02-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/118,634
; PRIOR FILING DATE: 1999-02-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/122,372
; PRIOR FILING DATE: 1999-03-02
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/124,905
; PRIOR FILING DATE: 1999-03-17
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/131,121
; PRIOR FILING DATE: 1999-04-27
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/US00/02966
; PRIOR FILING DATE: 2000-02-04
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 14
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 4
; LENGTH: 2811
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: Description of Artificial Sequence: Complement of
; OTHER INFORMATION: pBIC3 3 vector construct
US-09-498-612-4

Query Match 18.1%; Score 254.8; DB 18; Length 2811;
Best Local Similarity 56.7%; Pred. No. 1.7e-48;
Matches 664; Conservative 0; Mismatches 397; Indels 111; Gaps 6;
Qy 344 GTGTTAATGTGAGAAATTAATTTTATAAATCAAAATGCTCCAAATTTAATGAGGTGCTA 403
Db 1649 GTGCTGCTTAAGGAGAAGCTAATGGTAATTAACCTTTCCGAGCAAAATAATGCTGTAGAG 1590
Qy 404 GTACATGCACAGCTTGTCCGCTAAACAGAGTTGGTGTGATGCTAGCTGCTGTAATGCCG 463
Db 1589 GTATATGTGTACCATGCAAAATAACAGAGTAGGCTCTGTATCCAAATGAGGAGTACTAG 1530
Qy 464 CTACCATAGTCGATATGATGCTGCGATGCTGCTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 523
Db 1529 CTACTTTAGCCACATAATGACGAGTACTTAATGTCTACTGGCACTGCACTTGTATGATGAG 1470

Qy 524 TAACCTACTGATTATGTTAGATCAITTCACAGAAATGCTTAAATGTAGACATTAACCTTTACT 583
Db 1469 TGACAGATGTTTTGTATAGATCAGCCGCAATAATGTCTGTTAAATGCAAACTTAACCTTTACT 1410
Qy 584 ATAAATGTAATAATGTTGTAATACCTTTCATCCAGGTAAAAGTTAATGCACACCTTGTC 643
Db 1409 ATAATGTTGTTCTCTCTTAAGGTGAAGCTCCGCGCTTTAAGTTTTGCTGCTGGTCTG 1350
Qy 644 CGGCAATTAACCTGCT-----AATG 664
Db 1349 CCGCTGCAGGTGTTGCTGCCGTTACTAGTAATAATGTACTCTTGCCAACTTAACAAAAAG 1290
Qy 665 TTGCTTAAAGTACTTTAGGTAAATGATGCTACAAATACCGCATAAATGTAACTGTCATGCC 724
Db 1289 ATTCTCTGCCACTGCGAGTGCCTAAGCTAATTTAGCCACATAATGTAGCAATTAATGTC 1230
Qy 725 CTGATGGTACTATAAGTGTGCTGGAGT---AAATAATTTGGGTAGCACAAAAACACTGAAT 781
Db 1229 CTACTGCGACTGTACTTGTATGATGGAGTGACACTTTGTTTTAATACATCAGCCACATTA 1170
Qy 782 GTACTAATTTGCTCCTCAACTTTTACAATAATAATGCTCCTAATTT-----826
Db 1169 GTGTTAAATGCAGACCTTAACCTTTTACTATAATGGTGGTCTCTCTTAAGGTGAAGCTCCTG 1110
Qy 827 -----TCAATCCAGGTAAATAGTACAT 847
Db 1109 GCGTTTAAAGTTTTGCTGCTGCTGCCGCTGCGAGTGTGCTGCCCTTACTAGTTAAT 1050
Qy 848 GCTACTCTTGCCAGCAAAATAAGATTAATGTTGCTGAAGCCACTGCGAGTGGTCCCGCTA 907
Db 1049 GTGTAAGTCTGCAAAATAACAAAAACGATTTCTCT---GCTCTGCGAGTGCCTAAGCTA 993
Qy 908 CTTTACCCAAATAATGTAATATTGCTAGTCCCTGATGGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 967
Db 992 ATTTAGCCACATAATGCGAGTACTTAATGCTCAACTGCGACTGCAATTTCAAGACGCGTGA 993
Qy 968 CTAAATATGTAATATTATAACAGAAATGCTAATAATTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1027
Db 932 CACTTGTGTTTTAGTAATTCATCCACATAATGCTCTAATGCAATGCTAATTTACTTTTTTA 873
Qy 1028 GTAATAATTTCTAGCGAGGAAGTAGATGCAAGCAATGCTCCAGCAAAATAAGTTAAG 1087
Db 872 ATGGTAAATTCGAAGCAGGTAAAGTTAATGTTTAAAGTGTCCAGTAAGTAAACT---A 816
Qy 1088 GCGCTGTAGCAACTGCGAGTGTGCTACTGCTACTTTAATTTGCAATGATGCTGCTGCTGCTGCTG 1147
Db 815 CTCCAGCACATGCTCCAGGTAAATGCTGCTACTTAAGCCACATAATGTTTGACCACTGTC 756
Qy 1148 CTG 1207
Db 755 CTG 696
Qy 1208 GTGTTAAATGTGCTGCCAACTTTTATATACTACAAAATAAAGTAACTGCTGCTGCTGCTGCTG 1267
Db 695 GTACTAATGTTCTGCTGGCTTTTTCGATCAAAAACAACACTGTTTTTACAGCAGGTACTG 636
Qy 1268 ATACATGCTAGTGTGTAATAAAAAATAACTTCTGCGCTGAAGCTAATTTACCTGGAAT 1327
Db 635 ATACATGCTAGTGAATGCTAATAAAAAATAACTTCTGCTGCGCACAGCTAAAGTATATGCTG 576
Qy 1328 CTGCTAAAAAATAATATAATG-----TGATTTCCGCTAATTTTATATCAATTTCT 1378
Db 575 AAGCTACTCAAAAGTAAATGCGCTCCACTACTTCTGCTAAATTTTATCGATTTCT 516
Qy 1379 TATTATGATTTCTTATTATTATTATGATGA 1410
Db 515 TATTATTTATTTCTTCTATTATTATTGAGGA 484

GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Clark, Theodore G.
; APPLICANT: Dickerson, Jr., Harry W.
; TITLE OF INVENTION: DIAGNOSTIC AND PROTECTIVE ANTIGEN GENE SEQUENCES OF
; TITLE OF INVENTION: ICHTHYOPHITHIRIUS
; FILE REFERENCE: 235.0010101
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/497.967
; CURRENT FILING DATE: 2000-02-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/131,121
; PRIOR FILING DATE: 1999-04-27
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/118,634
; PRIOR FILING DATE: 1999-02-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/122,372
; PRIOR FILING DATE: 1999-03-02
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/124,905
; PRIOR FILING DATE: 1999-03-17
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 102
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 1
; LENGTH: 1326
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Ichthyophthirius multifiliis
US-09-497-967-1

Query Match 17.9%; Score 252.6; DB 18; Length 1326;
Best Local Similarity 56.7%; Pred. No. 4.1e-48;
Matches 660; Conservative 0; Mismatches 394; Indels 111; Gaps 6;

QY 344 GTGTTAAATGTAAGTAAATTTTATAATGAAATGCTCCAAATTTTAAATGCGAGTGTCTA 403
DB 167 GTGCTGCTTAAGGAGAGCTAATGTAATTAACCTTCGCACAAATAATGCTGTAGAG 226
QY 404 GTACATGCACAGCTGTCCGCTAAACAGAGTTGGTGGTGCACTGACTGCTGGTAATGCCG 463
DB 227 GTATATGTGTACCATGCCAAATAACAGAGTAGGCTCTGTTACCAATGCAGGTGACTTAG 286
QY 464 CTACCATAGTCGATATGTAAGTGAAGTGCATGCTGCTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 523
DB 287 CTACTTTAGGCACATATGCAATGCACTGACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 346
QY 524 TAACCTACTGATTTAGTATGATATTCACAGATGCTGTTAAATGTAGACTTAATCTTTACT 583
DB 347 TGACAGATGTTTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 406
QY 584 ATAATGTAATATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTA 643
DB 407 ATAATGTTGTTCTCTCTTAAGGTGAAGCTCCTGGCGTTTAAGTTTGTGCTGCTGCTGCTG 466
QY 644 CGGCAATTAACCTGCT-----AATG 664
DB 467 CGCTGCGAGGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 526
QY 665 TTGCTTAAGTACTTTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 724
DB 527 ATTCTCTGCCACGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 586
QY 725 CTGATGCTACTATAAGTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 781
DB 587 CTACTGGCAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 646
QY 782 GTACTAATTTGCTCTTAACTTTTACATAATATGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 826
DB 647 GTGTTAAATGACAGCTTAACCTTTTACTATATATGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 706
QY 827 -----TCAATPCCAGGTAAATAGTACAT 847
DB 707 GCGTTTAAATTTTGTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 766
QY 848 GCGTACCTTGGCCAGCAATAAAGATTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 907
DB 767 GTGTACCTTGGCCAAATAACAAACAGATTCTCTCT---GCCACTGCGAGTGCCTAAGCTA 823

QY 908 CTTTAGCCAAATAATGTAATTTGCAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 967
DB 824 ATTTAGCCACATAATGCACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 883
QY 968 CTAATTAATGTAATTAATAACAGAGTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1027
DB 884 CACTTGTGTTTGTAGTAATTCATCCACATAATGTTCTTAAATGCAATGCTGCTGCTGCTGCTG 943
QY 1028 GTAATAATTTCTAGCCAGGAGTAGTAGTCAAGAGCATGCTCCAGCAATAATAAGTTTAAAG 1087
DB 944 ATGGTAATTTTGAAGCAGGTAAAGTTAATGTTTAAAGTGTCCAGTAAGTAAAGT---A 1000
QY 1088 GGCCTGTAGCAACTGCAGGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1147
DB 1001 CTCAGCAGCATGCTCCAGGTAAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1060
QY 1148 CTGCTGGTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1207
DB 1061 CTGCTGGTACAGTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1120
QY 1208 GTGTTAAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1267
DB 1121 GTACTAAATGTTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1180
QY 1268 ATACATGCTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1327
DB 1181 ATACATGCTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1240
QY 1328 CTGCTAAAAAATAATATAATG-----TGATTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1378
DB 1241 AGCTTACTCAAAAAGTATATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1300
QY 1379 TATTATTGATTTCTTATTAATTTATT 1403
DB 1301 TATTATTATTCTTCTTCTTATTATT 1325

RESULT 11
US-09-498-612-7
; Sequence 7, Application US/09498612
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: GAERTIG, Jacek
; APPLICANT: DICKERSON Jr., Harry W.
; APPLICANT: CLARK, Theodore G.
; APPLICANT: THE UNIVERSITY OF GEORGIA RESEARCH FOUNDATION, INC
; TITLE OF INVENTION: RECOMBINANT EXPRESSION OF HETEROLOGOUS NUCLEIC ACIDS IN
; TITLE OF INVENTION: PROTOZOA
; FILE REFERENCE: 235.00100101
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/498,612
; CURRENT FILING DATE: 2000-02-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/118,634
; PRIOR FILING DATE: 1999-02-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/122,372
; PRIOR FILING DATE: 1999-03-02
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/124,905
; PRIOR FILING DATE: 1999-03-17
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/131,121
; PRIOR FILING DATE: 1999-04-27
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/US00/02966
; PRIOR FILING DATE: 2000-02-04
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 14
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 7
; LENGTH: 1326
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Ichthyophthirius multifiliis
US-09-498-612-7

Query Match 17.9%; Score 252.6; DB 18; Length 1326;
Best Local Similarity 56.7%; Pred. No. 4.1e-48;
Matches 660; Conservative 0; Mismatches 394; Indels 111; Gaps 6;
QY 344 GTGTTAATTTGTAAGTAAATTTTATAATGAAATGCTCCAAATTTTAAATGCGAGTGTCTA 403

Db 167 GTGCTGCTTAAGGAGAACTAAATGGTAATTAACCTTTCCGACGAATAATGCTGCTAGAS 226
Qy 404 GTACATGCACAGCTTGTCCGGTAACACAGAGTTGGTGGTGCAATGCTGGTAATGCGG 463
Db 227 GTATATGTGTACCAATTAACACAGATAGGCTCTGTACCAATGCAGGTGACTTAG 286
Qy 464 CTACCATAGTCGCAATAATGAAGCTGCCATGCTCTACTGCTACTGCACTTGATGATGGAG 523
Db 287 CTACTTTAGCCACATAATGCAGTACTTAATGCTCTACTGGCACTGCCTGATGATGGAG 346
Qy 524 TAACCTACTGATATGTTAGATCAATTCACAGATGTTAAATGTAGACTTAACCTTTACT 583
Db 347 TCACAGATGTTTGTATAGATCAGCCGCAATATGTTAAATGCAACCTAATCTTTACT 406
Qy 584 ATAATGTAATAATAGTAAATACCTCTTCAATCCAGGTAAGTTAAATGCAACCTTGTG 643
Db 407 ATAATGCTGCTCTCTTAAGGTGAAGCTCCGCGCTTTAAGTTTGTGCTGCTGCTG 466
Qy 644 CGGCAATTAAACCTGCT-----AATG 664
Db 467 CCCTGCAGGTGTGCTGCCGTTACTAGTTAATGTGTACTTGGCCAACTAAACAAACG 526
Qy 665 TTGCTTAAGCTACTTTAGTGAATGCTACAAATACCCGCAATAATGTAAGCTTGCAATGCC 724
Db 527 ATTCTCTGCCACTGCAGGTGCCTAAGCTAATTTAGCCACATAATGTAGCAATTAATGTC 586
Qy 725 CTGATGGTACTAATAAGTGTCTGCTGGAGT---AAATAATGGGTAGCAACAAACACATGAAT 781
Db 587 CTACTGGCACTGTACTTGATGATGAGTGACACACTTGTTTTAAATACATCAGCCACATTA 646
Qy 782 GTACTAATTTGCTCCTACTTACATAATAATGCTCCTAAT-----826
Db 647 GTGTTAAATGCAGACCTAATCTTTACTAATATGTTGGTGTCTCTCTTAAGGTGAAGCTCCTG 706
Qy 827 -----TCAATCCAGGTAAATAGTACAT 847
Db 707 GCCTTTTAAGTTTTTGTGCTGCTGCGGTGCAGGTGTTGCTGCCGTTACTAGTTAAT 766
Qy 848 GCCTACCTTGGCCAGCAATAAAGATTATGCTGCTGAAGCCACTGCAGGTGGTCCCGCTA 907
Db 767 GTGTACTTGGCAATAAACAACAAACGATTCTCCT--GCCACTGCAGGTGCCCTAAGCTA 823
Qy 908 CTTTAGCCAAATAATGTAATATTGCTGCCCTGATGCTAGTACGCAATTTGCTAGTGGACAA 967
Db 824 ATTTAGCCACATAATGCAGTACTTAATGTCCAACTGGCACTGCAATTCAGACGAGTGA 883
Qy 968 CTAATTAATGTAATATATAACAGAAATGCTAAATTTGCTGCTAACTTTTATTTTGTATG 1027
Db 884 CACTTGTGTTTATGTAATTCATCCACATAATGTTCTTAATGCAATGCTAATTTACTTTT 943
Qy 1028 GTAATAATTTTAGCGAGGAAGTAGTAGATGCAAGCAAGCTGCCAGCAATAAAGTTTAAG 1087
Db 944 ATGGTAATTTTCGAAGCAGGTAAAAGTTAATGTTTAAAGTGTCCAGTAGTAAGTAACCT--A 1000
Qy 1088 GCGCTGTAGCAACTGCAGGTGGTACTGCTACTTTAATGTCATATATGCGCCTTGAATGCC 1147
Db 1001 CTCACAGACATGCTCCAGGTAACTGCTACTTAAGCCACATAATGTTTGACCAACATGTC 1060
Qy 1148 GTGCTGGTACTGTACTCACCGATGGAACACATCTACTTATAATAAGCAGACATCTGAAT 1207
Db 1061 CTGCTGGTACAGTACTTGTATGGAACATCAACTAATTTTGTAGCTTCGCAACTGAAT 1120
Qy 1208 GTGTTAAATGTCGCCAATCTTTTACTACAAATAAATGATGTTGGGTAGCAGGTATTG 1267
Db 1121 GTACTAATGTTCTGCTGGCTTTTTCATCAAAAACAACTGGTTTTACAGCAGGTACTG 1180
Qy 1268 ATACATGCTACTGTAGTTGAATAAAAAATTAACCTCTGCGCTGAAGCTAATTTACCTGAAT 1327
Db 1181 ATACATGCTACTGTAGTACTAAAAAATTAACCTCTGGTGGCCACAGCTAAGATATATGCTG 1240
Qy 1328 CTGCTAAAAAATAATATATG-----TGATTTCCGCTAATTTTTTATCAATTTCT 1378
Db 1378 TTTT TTTT TTTT TTTT TTTT TTTT TTTT TTTT TTTT TTTT TTTT TTTT TTTT TTTT TTTT

Db 1241 AAGTACTCAAAAGTATAATAGCCCTCCACTACTTTGCTGCTAAATTTTTTATGCTATTCCT 1300
Qy 1379 TATTATTGATTCTTCTTATTATTATT 1403
Db 1301 TATTATTATTCTTCTTCTATTATT 1325
RESULT 12
US-07-763-352A-2
: Sequence 2, Application US/07763352A
: GENERAL INFORMATION:
: APPLICANT: Clark, Theodore G.
: APPLICANT: Dickerson, Harry W.
: TITLE OF INVENTION: ICH IMMOBILIZATION ANTIGEN AND FISH
: TITLE OF INVENTION: VACCINE
: NUMBER OF SEQUENCES: 15
: CORRESPONDENCE ADDRESS:
: ADDRESSEE: Greenlee and Wlener
: STREET: 5370 Manhattan Circle, Ste. 201
: CITY: Boulder
: STATE: Colorado
: COUNTRY: USA
: ZIP: 80303
: COMPUTER READABLE FORM:
: MEDIUM TYPE: Floppy disk
: COMPUTER: IBM PC compatible
: OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
: SOFTWARE: Patent In Release #1.0, Version #1.25
: CURRENT APPLICATION DATA:
: APPLICATION NUMBER: US/07/763.352A
: FILING DATE: 19910920
: CLASSIFICATION: 435
: ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
: NAME: Ferber, Donna M.
: REGISTRATION NUMBER: 33,878
: REFERENCE/DOCKET NUMBER: 15-91
: TELECOMMUNICATION INFORMATION:
: TELEPHONE: 303/499-8080
: TELEFAX: 303/499-8089
: TELEX: 823189
: INFORMATION FOR SEQ ID NO: 2:
: SEQUENCE CHARACTERISTICS:
: LENGTH: 1193 base pairs
: TYPE: NUCLEIC ACID
: STRANDEDNESS: double
: TOPOLOGY: linear
: MOLECULE TYPE: cdna to mRNA
: FEATURE:
: NAME/KEY: mat_peptide
: LOCATION: 13..1125
: FEATURE:
: NAME/KEY: CDS
: LOCATION: 1..1128
: OTHER INFORMATION: /codon= (seq: "taa", aa: Gln)
: OTHER INFORMATION: /codon= (seq: "tag", aa: Gln)
US-07-763-352A-2
Query Match 17.08; Score 239.6; DB 3; Length 1193;
Best Local Similarity 55.2%; Pred. No. 4.2e-45;
Matches 551; Conservative 0; Mismatches 414; Indels 33; Gaps 3;
Qy 344 GTGTTAATTTGTAGAAATTAATTTTATATGAAATGCTCCAAATTTTAAATGCAAGGTGCTA 403
Db 119 GTGCTGCTTAAGGAGAACGTAATGGTAATTAACCTTTCGACGAATAATGCTGCTAGAG 178
Qy 404 GTACATGCACAGCTGTCCGGTAAACAGAGTTGGTGGTGCATTTGACTGCTGGTAATGCCG 463
Db 179 GTATATGTGTACCAATGCGCAATAAACAGAGTAGGCTCTGTTACCAATGCAAGGTGACTTAG 238
Qy 464 CTACCATAGTCGCAATAATGTAACGTCCTACTGCTACTGCTACTGCTACTGATGATGGAG 523
Db 239 CTACTTTAGCCACATAATGCACTACTTAATGCTCTACTGCGCACTGCACTTGATGATGGAG 298

Thu Feb 20 11:10:30 2003

524 TAACACTGATGATGTTAGATCAATTCACAGAAATGTTTAAATGATAGACTTAACCTTTTACT 583
Db 299 TGACAGATGTTTGTATAGATCAGCGCATATATGTTTAAATGCAAACTAACTTTTACT 358
Qy 584 ATAAATGGT-----AATAATGGTAATGACTCTTTCAATC 616
Db 359 ATAAATGGTGTCTCTCCTTAAGGTGAAGCTCCTGGCGTTTAAAGTTTGTGCTGCTGCTG 418
Qy 617 CAGTAAAGATTAATGCACACCTTGTCCGGCAATTAACACCTGCTAATGTTGCTTTAAGCTA 676
Db 419 CCCTCAGGTGCCTAAGCTAATTTAGCCACATATAGCAATTAATGCTCTACTGGCA 478
Qy 677 CTTTAGGTAATGATGCTACAAATACCGCAATATGTAAGCTTGCATGCCCTCATGGTACTA 736
Db 479 CTGTACTGTATGATGAGTGACACTTGTTTTAAATACATCAGCCACATATGTTGTTAAAT 538
Qy 737 TAAGTCTGCTGGAGTAATAATGGGTAGCACAAACACTGAATGTACTAATGTTGCTC 796
Db 539 GCAGACTTAACCTTTTACTATATGTTGGTTCTCCTTAAGGTGAAGCTCCTGGCGTTTAA 598
Qy 797 CTAACTTTTACAATAATGCTCCTTAATTTCAATCCAGGTAAATAGTACATGCTACCTT 856
Db 599 TTTTGTGCTGCTGCTGCGCTGCAGGTGTTGCTGCCGTTACTAGTTAATGTTGCTACCT 658
Qy 857 GCCAGCAATAAGATTTATGGTGTGAAGCCACTGCCAGTGTGCTGCCGCTACTTTAGCCA 916
Db 659 GCCAACTAAACAAAACGATTCCTP---GCCACTGCAGGTGCCCTAAGCTAATTTAGCCA 715
Qy 917 AATAATGTAATATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 976
Db 716 CATATGCACTACTAATGTGCCAAGTGGCAGTGCATTCAGACGGAGTGACACTTGT 775
Qy 977 TAATATTAACAGAAATGCTAAATGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1036
Db 776 TTAGTAATTCATCCACATAATGTTCTTAATGCAATGCTAATTAATGCTGCTGCTGCTGCT 835
Qy 1037 TCTAGGAGAGAGTGTAGTGTGCAAGAGCATGTCCAGCAATAAAGTTTAAAGCGCTGTAG 1096
Db 836 TCGAAGCAGGTGAAAGTTAATGTTTAAAGTGTCCAGTAAAGTAACT---ACTCCAGCAC 892
Qy 1097 CAACGTGAGGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1156
Db 893 ATGCTCCAGGTAAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 952
Qy 1157 CTGTACTCAGGATGGAACACATCTACTTATAAATGAGCAGCATCTGAATGTTGTTAAAT 1216
Db 953 CAGTACTGTATGGAACATCACTAATTTTGTAGTCCGCACTGAATGCTACTAAAT 1012
Qy 1217 GTGCTGCCAATTTTATACTACAAATAAATGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1276
Db 1013 GTTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1072
Qy 1277 CTAGTTGTAATAAATAATTAACCTTCTGCGCTGAAGCT 1314
Db 1073 CTGAATGTACTAAAAAATAACTTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1170

RESULT 13
US-07-763-352A-14
; Sequence 14, Application US/07763352A
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Clark, Theodore G.
; APPLICANT: Dickerson, Harry W.
; TITLE OF INVENTION: ICH IMMOBILIZATION ANTIGEN AND FISH
; TITLE OF INVENTION: VACCINE
; NUMBER OF SEQUENCES: 15
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: GreenLee and Winner
; CITY: Boulder
; STATE: Colorado
; COUNTRY: USA
; ZIP: 80303

COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/07763,352A
FILING DATE: 19910920
CLASSIFICATION: 435
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Feider, Donna M.
REGISTRATION NUMBER: 33,878
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 15-91
TELEPHONE: 303/499-8080
TELEPHONE: 303/499-8089
TELEFAX: 303/499-8089
TELEX: 823189
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 14:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 1936 base pairs
TYPE: NUCLEIC ACID
STRANDEDNESS: double
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: cDNA to mRNA
FEATURE:
NAME/KEY: mat_peptide
LOCATION: 88..1269
FEATURE:
NAME/KEY: sig_peptide
LOCATION: 28..88
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: 28..1272
OTHER INFORMATION: /codon= (seq: "taa", aa: Gln)
OTHER INFORMATION: /codon= (seq: "tag", aa: Gln)
US-07-763-352A-14

Query Match 15.2%; Score 214.6; DB 3; Length 1936;
Best Local Similarity 55.4%; Pred. No. 3.5e-39;
Matches 591; Conservative 0; Mismatches 374; Indels 102; Gaps 5;

Qy 344 GTGTTAATTCAGATAATTTTATAATGAAATGCTCCAAATTTTAATGCGAGTGCTA 403
Db 194 GTGCTGCTTAAGGAGAAGCTAATGGTAATTAACCTTTTCGACGCAATAATGCTGTAG 253
Qy 404 GTACATGCACAGCTGTGCCGTTAAACAGAGTTGGTGGTGCATGCTGCTGCTGCTGCTGCT 463
Db 254 GTATATGTGTACCATGCCAATAAAGAGAGTAGGCTCTGTTACCAATGAGGTTGCTGCTGCT 313
Qy 464 CTACCATAGTCGCATAATGTAACGTCGCATGCTCTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 523
Db 314 CTACTTTAGCCACATAATGCACTACTTAATGCTCTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 373
Qy 524 TAACACTGATTAATGTTAGATCATTTACAGAAATGTTTAAATGATAGACTTAACCTTTTACT 583
Db 374 TGACAGATGTTTTTGTATAGATCAGCCGCAATAATGTTTAAATGCAAACTAACTTTTACT 433
Qy 584 ATATGGTAATAATGTTAATCTCTTTCAATCCAGTAAAGCTTTAATGACACACCTTTGCTC 643
Db 434 ATAATGGTGTGTTCTCTTAAGGTGAAGCTCCTGGCGTTTAAAGTTTGTGCTGCTGCTGCTG 493
Qy 644 CGGCAATTAACCTGCT-----AATG 664
Db 494 CCGTGCAGGTGTTGCTGCCGTTACTAGTTAATGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 553
Qy 665 TTGCTTAAGCTACTTTAGGTAATGATGCTACATAACCGCATTAATGTAAGCTTTGCTGCTGCT 724
Db 554 ATTCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 613
Qy 725 CTGATGGTACTATAAGTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 781
Db 614 CTACTGGCAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 673

